

PATENT ABSTRACTS OF JAPAN

(11)Publication number : 2001-251134

(43)Date of publication of application : 14.09.2001

(51)Int.Cl.

H01Q 19/28

G06N 3/00

H01Q 21/20

(21)Application number : 2000-061143

(71)Applicant : NIPPON TELEGR & TELEPH CORP <NTT>

(22)Date of filing : 06.03.2000

(72)Inventor : MARUYAMA TAMAMI

HONMA NAOKI

ANDOU ATSUYA

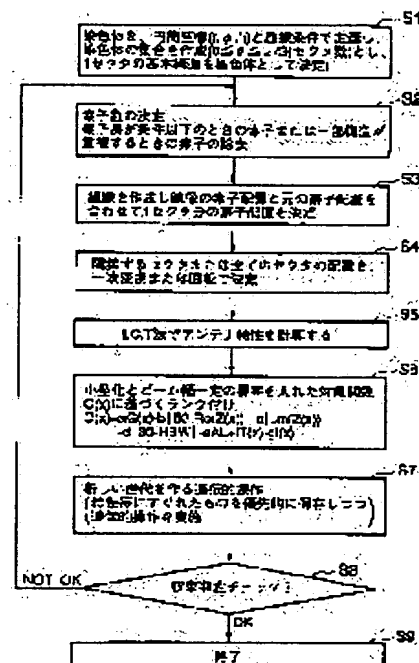
HORI TOSHIKAZU

(54) METHOD FOR OPTIMALLY DESIGNING ANTENNA, RECORDING MEDIUM WITH ANTENNA OPTIMUM DESIGN PROGRAM STORED THEREIN AND ANTENNA DEVICE

(57)Abstract:

PROBLEM TO BE SOLVED: To provide an antenna optimally designing method which makes the number of elements variable, offers the degree of freedom even to the arrangement of a parasitic element and also can be applied even to optimization for sector antenna miniaturization.

SOLUTION: The prescribed number of chromosomes composed of element information including a position and an element length is generated (1), element information in which an element length is equal to or less than prescribed or position information is overlapped is eliminated (2), element information for one sector is constructed on the basis of each of the obtained chromosomes (3), the element information of an antenna is generated on the basis of each piece of the element information for one sector (4), an antenna characteristics is calculated on the basis of the element information of the antenna (5), the element information is evaluated on the basis of an object function to be ranked on a chromosome (6), a genetic operation is performed while preferentially preserving an excellent element information in each characteristics to generate a gene group of a new generation (7), and whether the gene group of a new generation meets a prescribed convergence condition is decided, designing is finished when the condition is met, and the above processes are repeated on the basis of a gene group of a new generation when the condition is not met (8).



LEGAL STATUS

[Date of request for examination]

20.11.2001

[Date of sending the examiner's decision of rejection]

[Kind of final disposal of application other than the examiner's decision of rejection or application converted registration]

[Date of final disposal for application]

[Patent number]

3576065

[Date of registration]

16.07.2004

[Number of appeal against examiner's decision of rejection]

[Date of requesting appeal against examiner's decision of rejection]

[Date of extinction of right]

Copyright (C); 1998,2003 Japan Patent Office

(19) 日本国特許庁 (J P)

(12) 公開特許公報 (A)

(11) 特許出願公開番号

特開2001-251134

(P2001-251134A)

(43) 公開日 平成13年9月14日 (2001.9.14)

(51) Int.Cl.⁷

識別記号

F I

テマコード* (参考)

H 0 1 Q 19/28

H 0 1 Q 19/28

5 J 0 2 0

G 0 6 N 3/00

5 5 0

G 0 6 N 3/00

5 5 0 C

5 J 0 2 1

H 0 1 Q 21/20

H 0 1 Q 21/20

審査請求 未請求 請求項の数 9 O L (全 15 頁)

(21) 出願番号 特願2000-61143 (P2000-61143)

(22) 出願日 平成12年3月6日 (2000.3.6)

(71) 出願人 000004226

日本電信電話株式会社

東京都千代田区大手町二丁目3番1号

(72) 発明者 丸山 珠美

東京都千代田区大手町二丁目3番1号 日

本電信電話株式会社内

(72) 発明者 本間 尚樹

東京都千代田区大手町二丁目3番1号 日

本電信電話株式会社内

(74) 代理人 100058479

弁理士 鈴江 武彦 (外2名)

最終頁に続く

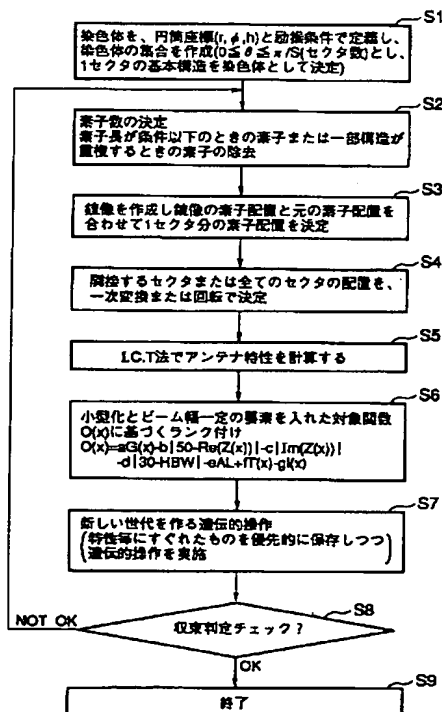
(54) 【発明の名称】 アンテナ最適設計法、アンテナ最適設計プログラムを格納した記録媒体、及びアンテナ装置

(57) 【要約】

(修正有)

【課題】 素子数を可変にし、無給電素子の配置にも自由度があり、セクタアンテナ小型化のための最適化にも適用可能なアンテナ最適設計方法の提供。

【解決手段】 位置及び素子長を含む素子情報からなる染色体を所定数生成し、素子長が所定値以下又は位置情報が重複する素子情報を削除し、得られた染色体のそれぞれに基づいて1セクタ分の素子情報を構成し、1セクタ分の素子情報のそれぞれに基づいてアンテナの素子情報を生成し、アンテナの素子情報に基づいてアンテナ特性を計算し、素子情報を対象関数に基づいて評価して染色体にランク付けし、特性ごとに優れたものを優先的に保存しつつ遺伝的操作を行い新たな世代の遺伝子群を生成し、新たな世代の遺伝子群が所定の収束条件を満たしているかを判定し、条件を満たせば設計を終了し、条件を満たさなければ新たな世代の遺伝子群に基づいて前記工程を繰り返す。



【特許請求の範囲】

【請求項1】 染色体を用いてアンテナ構造を設計するためのアンテナ最適設計方法であって、

位置及び素子長を含む少なくとも一つの素子情報からなる染色体を予め定めた個数だけ生成する第1工程（S1）と、

該予め定めた個数の染色体のそれぞれに含まれる素子情報のうち、その素子長が所定値以下のものを削除し、かつその位置情報が重複している二以上の素子情報のうち、一つの素子情報を残して他を削除する第2工程（S2）と、

該第2工程によって得られた染色体のそれぞれにもどづいて、1セクタ分の素子情報を構成する第3工程（S3）と、

該第3工程によって得られた1セクタ分の素子情報のそれぞれに基づいてアンテナの素子情報を生成する第4工程（S4）と、

該アンテナの素子情報のそれぞれに基づいて、アンテナ特性を計算する第5工程と（S5）、

該アンテナの素子情報のそれぞれを対象関数（ $O(x)$ ）にもとづいて評価することにより、前記予め定めた数の染色体それぞれにランク付けを行う第6工程（S6）と、

該予め定められた染色体につけられたランクに基づいて、特性ごとに優れたものを優先的に保存しつつ遺伝的操作を行い、新たな世代の遺伝子群を生成する第7工程（S7）と、

該新たな世代の遺伝子群が所定の収束条件を満たしているかを判定し、該所定の収束条件が満たされていればアンテナ設計を終了し、該所定の収束条件が満たされていなければ前記新たな世代の遺伝子群に基づいて前記第1工程から第7工程を繰り返す、第8工程（S8）と、を具備することを特徴とする、アンテナ最適設計方法。

【請求項2】 染色体を用いてアンテナ構造を設計するためのアンテナ最適設計方法であって、

位置及び素子長を含む少なくとも一つの素子情報からなる染色体を予め定めた個数だけ生成する第1工程（S1）と、

該予め定めた個数の染色体のそれぞれに含まれる素子情報のうち、その素子長が所定値以下のものを削除し、かつその位置情報が重複している二以上の素子情報のうち、一つの素子情報を残して他を削除する第2工程（S2）と、

該第2工程によって得られた染色体のそれぞれにもどづいて、1セクタ分の素子情報を構成する第3工程（S3）と、

該第3工程によって得られた1セクタ分の素子情報のそれぞれに基づいてアンテナの素子情報を生成する第4工程（S4）と、

該アンテナの素子情報のそれぞれに基づいて、アンテナ

特性を計算する第5工程と（S5）、

該アンテナの素子情報のそれぞれを対象関数（ $O(x)$ ）にもとづいて評価することにより、前記予め定めた数の染色体それぞれにランク付けを行う第6工程（S6）と、

該予め定められた染色体につけられたランクに基づいて、特性ごとに優れたものを優先的に保存しつつ遺伝的操作を行い、新たな世代の遺伝子群を生成する第7工程（S7）と、

10 該新たな世代の遺伝子群が所定の収束条件を満たしているかを判定し、該所定の収束条件が満たされていればアンテナ設計を終了し、該所定の収束条件が満たされていなければ前記新たな世代の遺伝子群に基づいて前記第1工程から第7工程を繰り返す、第8工程（S8）と、を具備する、アンテナ最適設計方法を実行するためのプログラムを格納した記録媒体。

【請求項3】 前記請求項1に記載のアンテナ最適設計法において、

前記第1工程において素子の位置情報を円筒座標

20 (r_i, ϕ_i) を用いて構成し、

前記第4工程において、該アンテナの素子情報を前記1セクタ分の素子情報の鏡像を用いて生成する、ことを特徴とするアンテナ最適設計法。

【請求項4】 前記請求項2に記載のアンテナ最適設計方法を実施するためのプログラムを格納した記録媒体であって、

前記第1工程において素子の位置情報を円筒座標

(r_i, ϕ_i) を用いて構成し、

30 前記第4工程において、該アンテナの素子情報を前記1セクタ分の素子情報の鏡像を用いて生成する、ことを特徴とする、アンテナ最適設計方法を実施するためのプログラムを格納した記録媒体。

【請求項5】 前記請求項1または3に記載のアンテナ最適設計方法において、

前記第7工程において、該予め定められた数の染色体のうち、ランクの高いものから所定数個を選別し、該選別された所定数個の染色体を次世代に必ず残ように遺伝的操作を行う、ことを特徴とするアンテナ最適設計法。

40 【請求項6】 前記請求項2または4に記載のアンテナ最適設計方法を実施するためのプログラムを格納した記録媒体であって、

前記第7工程において、該予め定められた数の染色体のうち、ランクの高いものから所定数個を選別し、該選別された所定数個の染色体を次世代に必ず残ように遺伝的操作を行う、ことを特徴とするアンテナ最適設計方法を実施するためのプログラムを格納した記録媒体。

【請求項7】 請求項1に記載のアンテナ最適設計方法において、

前記対象関数は：

50 $O(x) = aG(x) - b |A - \text{Re}(Z(x))| - c | \text{Im}(Z(x)) | - d | B$

$-HBW | -eAL$ 、

である（ただし、 $G(x)$ は該アンテナの指向性利得、 $Z(x)$ は該アンテナのインピーダンス、 HBW は該アンテナの水平面内放射指向性の半値幅を、 AL はアレー長を、 $T(x)$ はビーム割れが発生しないように設けた補助関数を示し、 $l(x)$ は素子の重なりや素子長の短いものを削除した後の素子数、 a, b, c, d, e, f 及び g は、それぞれの項目の重要度を表す係数であって実数にかぎられない、 A, B はそれぞれ所望のインピーダンス値および半値幅を示す）ことを特徴とする、アンテナ最適設計方法。

【請求項 8】 前記請求項 2 に記載のアンテナ最適設計方法を実施するためのプログラムを格納した記録媒体であって、

前記対象関数は：

$$O(x) = aG(x) - b | A - \text{Re}(Z(x)) | - c | \text{Im}(Z(x)) | - d | B - HBW | - eAL$$

である（ただし、 $G(x)$ は該アンテナの指向性利得、 $Z(x)$ は該アンテナのインピーダンス、 HBW は該アンテナの水平面内放射指向性の半値幅を、 AL はアレー長を、 $T(x)$ はビーム割れが発生しないように設けた補助関数を示し、 $l(x)$ は素子の重なりや素子長の短いものを削除した後の素子数、 a, b, c, d, e, f 及び g は、それぞれの項目の重要度を表す係数であって実数にかぎられない、 A, B はそれぞれ所望のインピーダンス値および半値幅を示す）ことを特徴とする、。

【請求項 9】 前記請求項 1、3、5、7 のいずれか一つに記載されたアンテナ最適設計方法によって設計されたアンテナ。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】 本発明は、セクタアンテナの小型化設計のために有効なアンテナ設計方法及び該方法を実施するためのプログラムを記憶した記憶媒体に関し、特に、高速無線 LAN 用セクタアンテナの小型化最適化、移動通信基地局用 2 周波あるいは 3 周波共用アンテナの小型化最適化を行う方法として有効なアンテナ設計方法及び該方法を実施するためのプログラムを記憶した記憶媒体に関する。

【0002】

【従来の技術】 従来の、Genetic Algorithms（以下、「GA」という）を用いた八木・宇田アンテナの設計方法は例えば文献 1：“Eric A. Jones, William T. Joines: “Design of Yagi-Uda Antennas Using Genetic Algorithms,” IEEE Trans. A · P Vol. 45, No. 9 Sept. 1997”で報告されている。

【0003】 図 17 は、従来の方法を用いて設計された 4 素子八木・宇田アンテナの一構成例を示す構成図である。従来の GA による八木・宇田アンテナの最適化の手法は、素子数をあらかじめ定め（本構成例の場合は素子

数 = 4）、つぎに各素子の素子長（本構成例では $L1, L2, L3, L4$ ）と素子間隔（本構成例では $S2, S3, S4$ ）を未知数として、これらの未知数を未知数列として配列して染色体を構成していた。

【0004】 本構成例における未知数によって構成される染色体の構成例を図 18 に示す。図 18 に示されるように、素子長 ($L1, \dots, L4$)、素子間隔 ($S2, \dots, S4$) をそれぞれ 6 bit の二値データで構成し、素子長 $L1, L2, L3, L4$ をあらかず 4 つの 6 ビット二値データと素子間隔 $S2, S3, S4$ をあらかず 3 つの 6 ビット二値データを交互に並べることにより、該アンテナ構成例の染色体を形成する。

【0005】 この従来の GA を用いた八木・宇田アンテナの設計方法を示すフローチャートを図 22 に示す。はじめに、図 18 に示されるような、素子間隔と素子長で構成された未知数列 (= 染色体) を、あらかじめ定めた個数だけ乱数を用いて生成し、生成されたこれら染色体を初期値とする (Step 1)。

【0006】 次に、これら初期値として生成された染色体を用いて、モーメント法を使ってそれぞれの染色体のアンテナ特性をシミュレーションにより求める (Step 2)。

【0007】 次に以下の式

$$O(x) = aG(x) - b | 50 - \text{Re}(Z(x)) | - c | \text{Im}(Z(x)) |$$

で与えられる対象関数 $O(x)$ を用いてそれぞれの染色体のランク付けを行う (Step 3)。ここで、 G

(x) は指向性利得、 $Z(x)$ はインピーダンス、 $\text{Re}(x)$ は x の実部を、 $\text{Im}(x)$ は x の虚部を表わすものとし、また a, b, c は、それぞれの項目の重要度を表す係数である。

【0008】 上記対象関数によって求めたそれぞれの染色体のランク付けに基づいて、該ランク付けされた染色体から新しい世代の染色体を作る遺伝的操作を行う (Step 4)。

【0009】 最後に、上記新しい世代の染色体が収束条件を満たしているか否かを判断し (Step 5)、収束条件を満たしていれば処理を終了し、満たしていなければ、該新しい世代の染色体について、前記 Step 2 から Step 5 をおこない、収束条件が満たされるまで同様の処理が繰り返される。

【0010】 このような従来の GA によるアンテナ設計方法では、固定長の染色体を使用する場合は、素子数を固定せざるを得ない。したがって、従来の GA によるアンテナ設計方法では入力できるアンテナ構造のフレキシビリティに限界があった。また、回転対称性、線対称性を有する構造の最適化に対してなんら工夫がされていなかった。さらに、ビーム幅一定の最適化問題や小型化の最適化問題を解けないという欠点があった。

【0011】 このような従来の手法はさらに別の問題も有していた。すなわち、かかる従来の設計方法において

は、はじめに、素子数とアンテナの基本構成（たとえば、八木・宇田アンテナとするのか、コーナリフレクタアンテナとするのか）を決定しておく必要があり、最適化は決められた素子数および構造の範囲でのパラメータスタディとして行われるに過ぎない。特に、八木・宇田アンテナの場合、導波器や反射器に誘導される電流の位相と振幅がアンテナ特性に作用する（CG出版：アンテナ・ハンドブック、pp. 347-354）。これは、素子間隔や素子長などの構造で決定される値である。一方、八木・宇田アンテナはアレー長が長くなるにつれて利得が大きくなる傾向にある。このため、素子数と素子間隔の選択可能範囲を限定した条件下でアンテナの最適化を行うと、単に該アンテナのアレー長を長くした結果利得が高くなるという結果になり、導波器・反射器上の電流分布は必ずしも最適な結果になっていない、すなわち、振幅が最大、位相の複素成分が少ないという結果にならないという問題があった。

【0012】GAを用いたアンテナの設計方法の他の例を図19に示す。図19はCrookedwire genetic antennaと呼ばれるもので（Edward E. Altshuler, Derek S. Linden: "Wire-Antenna Designs Using Genetic Algorithms," IEEE A・P Magazine, Vol. 39, No. 2, April 1997. 参照）、 0.5λ （ λ : 波長）立方体で構成される設計空間中の任意の点を結んでできるワイヤで構成されるモノポールアンテナの最適化を行うものである。このアンテナ設計方法においては、選択し得るアンテナ構造にある程度自由度があり、パラメータスタディにとどまらず構造の最適化も計ることができる。しかし、ワイヤ数はあらかじめ決定しており、またセクタアンテナの最適化には適用し得ない。

【0013】次に、GAを用いない、従来のセクタアンテナの設計法について説明する。図20は、19GHz帯無線LAN用小型セクタアンテナとして提案されている、マルチセクタモノポール八木・宇田アンテナ（MS-MPYA）を示す図である。MS-MPYAは下記の【表1】に示すように、たくさんの設計パラメータがあり、従来は、「丸山、上原、鹿子嶋：信学論B-11, 『モノポール八木・宇田アンテナを用いた無線LAN用小型マルチセクタアンテナの解析と設計』、Vol. J80-B11, pp. 424-433, No. 5, 1997年5月」および「1996年電

子情報通信学会総大会：B-105丸山、上原、鹿子嶋：『有限地板上に設置された金属フィン付きセクター化モノポール八木アレーの解析』」などに示されるように、各セクタ毎のアレー長、円筒リフレクタの半径、素子長、リフレクタの高さ、金属フィンの長さについて、それぞれ別々にパラメータスタディを行い、最適化を計っていた。

【0014】

【表1】

10

20

30

40

50

表1 アンテナ構造パラメータと解析設計に用いた寸法（ $\lambda=15.37\text{mm}$ ）

r	地板の半径
s	円筒リフレクタの半径（ 0.98λ ）
hr	リフレクタの高さ
lr	金属フィンの長さ
rt	リフレクタの厚さ（ 0.13λ ）
lg	リフレクタから地板の端までの長さ
la	アレーの長さ
d_o	リフレクタと給電素子#1の間隔
n	一つのアレーを形成する素子の数 #1: 給電素子、#2..#n: 導波素子
dp	素子間隔
ai	ワイヤーの半径（ 0.00325λ ）
hi	素子#iの高さ

【0015】また、MS-MPYAは上記『モノポール八木・宇田アンテナを用いた無線LAN用小型マルチセクタアンテナの解析と設計』に示されるように、セクタ配置を行い、隣接アレーを有効利用することによりビーム幅を小さくして利得を上げ特性を向上させているが、これを一般化した無給電素子の最適配置にまでは到っていなかった。また下記【表2】に示すように設計条件の種類が多い場合、一つ一つについて特性を調べ最適化を計っていた。このため、多大な労力と時間を必要としていた。

【0016】

【表2】

表2 設計条件

中心周波数	19.5GHz
比帯域	0.6%
セクター数	12
円錐面半値幅*	30°
垂直面チルト角	15° ~ 20°
F/B比	20dB以上
指向性利得	15dBi以上
アレー間結合	-30dB以下
リターンロス	-15dB以下

【0017】図21は従来の移動通信用基地局アンテナのための二周波共用アンテナの例である（鈴木、鹿子嶋「任意ビーム幅2周波数帯共用コーナリフレクタアンテナ」、Vol. J75-B11, pp. 950-956, No. 12, 1992年12月参照）。従来の設計法においては、はじめにリフレクタの構造を決定する。たとえば、図21のようなコーナリフレクタや、丸山 珠美、鹿子嶋 憲一：「等ビーム2周波共用コーナリフレクタアンテナ」、NTTR&D, Vol. 42 No. 9 1993., pp. 1135-1146, 1993年9月に記載されているような円筒型のリフレクタなどとする。そのうち、コー

ナリフレクタアンテナのコーナ角、コーナ長、などについてパラメータスタディを行って設計していた。

【0018】これも前述の従来例と同様に、限定された条件の中での最適化に多大な労力と時間を要していた。

【0019】

【発明が解決しようとする課題】以上示したように、従来のGAを用いた最適化方法、また、セクタアンテナ設計法はともに、構造をはじめに限定してからパラメータスタディをしているに過ぎず、構造は設計者の決定にゆだねられていた。また、従来のGAを用いた八木・宇田アンテナの最適化方法では、素子数を可変にすることができず、無給電素子の配置にも自由度がなかった。さらに従来の手法では、セクタアンテナ小型化のための最適化の手段について、なんら工夫がされていなかったという欠点があった。

【0020】

【課題を解決するための手段】上記課題を解決することを目的として、本発明は以下のように構成される。

【0021】本発明は、染色体（たとえば、染色体に擬せられ、遺伝的処理の対象となるデータ構造体）を用いてアンテナ構造を設計するためのアンテナ最適設計方法であって、位置及び素子長を含む少なくとも一つの素子情報からなる染色体を予め定めた個数だけ生成する第1工程（S1）と、該予め定めた個数の染色体のそれぞれに含まれる素子情報のうち、その素子長が所定値以下のものを削除し、かつその位置情報が重複している二以上の素子情報のうち、一つの素子情報を残して他を削除する第2工程（S2）と、該第2工程によって得られた染色体のそれぞれにもどづいて、1セクタ分の素子情報を構成する第3工程（S3）と、該第3工程によって得られた1セクタ分の素子情報のそれぞれに基づいてアンテナの素子情報を生成する第4工程（S4）と、該アンテナの素子情報のそれぞれに基づいて、アンテナ特性を計算する第5工程と（S5）、該アンテナの素子情報のそれぞれを対象関数（ $O(x)$ ）にもとづいて評価することにより、前記予め定めた数の染色体それぞれにランク付けを行う第6工程（S6）と、該予め定められた染色体につけられたランクに基づいて、特性ごとに優れたものを優先的に保存しつつ遺伝的操作を行い、新たな世代の遺伝子群を生成する第7工程（S7）と、該新たな世代の遺伝子群が所定の収束条件を満たしているかを判定し、該所定の収束条件が満たされていなければアンテナ設計を終了し、該所定の収束条件が満たされていなければ前記新たな世代の遺伝子群に基づいて前記第1工程から第7工程を繰り返す、第8工程（S8）と、を具備することを特徴とする。

【0022】本発明はまた、上記第1工程から第8工程を実施するためのプログラムを格納した記録媒体としても実施可能である。

【0023】本発明の実施の態様においては、前記第1

工程において素子の位置情報を円筒座標（ r_i, θ_i, z_i ）を用いて構成し、前記第4工程において、該アンテナの素子情報を前記1セクタ分の素子情報の鏡像を用いて生成する、ように構成しても良い。

【0024】本発明の別の実施の態様においては、前記第7工程において、該予め定められた数の染色体のうち、ランクの高いものから所定数個を選別し、該選別された所定数個の染色体を次世代に必ず残ように遺伝的操作を行うように構成しても良い。

10 【0025】本発明のさらに別の実施の態様においては、前記対象関数として

$$O(x) = aG(x) - b|A - \operatorname{Re}(Z(x))| - c|\operatorname{Im}(Z(x))| - d|B - \operatorname{HBW}| - eAL,$$

（ただし、 $G(x)$ は該アンテナの指向性利得、 Z

(x) は該アンテナのインピーダンス、HBWは該アンテナの水平面内放射指向性の半値幅を、 AL はアレー長（ $AL = r_{max}$ ）を、 $T(x)$ はビーム割れが発生しないように設けた補助関数を示し、 $l(x)$ は素子の重なりや素子長の短いものを削除した後の素子数、 a, b, c, d, e, f 及び g は、それぞれの項目の重要度を表す係数であって実数にかぎられない、 A および B は所望のインピーダンス値および半値幅）である対象関数を用いても良い。

【0026】

【実施例】添付の図面を参照しながら、本発明の実施例について詳細に説明する。

【0027】〔第1の実施例〕まず、本発明の第1の実施例を図1、図2、図3、図4、図5、図6、図7及び図23を参照しながら説明する。

30 【0028】図1は、セクタアンテナ小型化のために、円筒座標を持ちいる場合のモデルを示している。図1において、記号「○」は給電素子#1の位置を示し、極座標の角度 $\phi = 0^\circ$ の軸上、原点からの任意の距離 r の位置に配置される。記号「●」は、無給電素子#2から# j を示している。

【0029】各素子は、パラメータ h_i, r_i, ϕ_i で定義される。ここで h_i は i 番目の素子の素子長、 r_i は i 番目の素子の原点からの距離、 ϕ_i は i 番目の素子の極座標の角度を表す（ $i = \#1 \sim \#j$ ）。

40 【0030】また、セクタアンテナを表すGAアルゴリズムの未知数列である染色体（遺伝的処理の対象となるデータ構造体）を、図2に示すように構成する。すなわち該染色体は、素子長 $h_{\#1}$ と原点からの距離 $r_{\#1}$ で構成された給電素子部（給電素子#1に相当する）と、それぞれが素子長 h_i と、原点からの距離 $r_{\#i}$ と、極座標の角度 $\phi_{\#i}$ とからなる（ $j-1$ ）個の組み合わせで構成される無給電素子部（無給電素子#2～# j に相当する）とで構成される。

50 【0031】ここで、図1に示すようにアンテナをセクタ化し、複数のセクタに分割する。セクタの数は予め決

定しておく。セクタ数を S とし、アンテナ特性の解析に用いる ϕ の最大値 ϕ_{\max} を $180/S^\circ$ とする。また、アンテナ素子の原点からの距離 $r_{\#i}$ については、予めその最大値 r_{\max} 及び最小値 r_{\min} を設定しておく。素子長 $h_{\#i}$ についても、その最大値 h_{\max} を 0.4λ (λ :波長)、最小値 h_{\min} を 0.07λ として制限を設ける。これによりアンテナの励振条件が決定される。

【0032】このように、アンテナの構造を極座標で表し、セクタ化し、その励振条件を決定して、その未知数列である染色体それぞれの各要素値 ($h_{\#i}$, $r_{\#i}$, $\phi_{\#i}$) を乱数を用いて決定し、図1に示すような染色体を作成する。このようにして作成される染色体を予め定めた個体数だけ用意する (図23:ステップS1)。

【0033】なお、以下の説明においては説明の便宜上、セクタ数: $S=12$ 、アンテナ素子の原点からの距離の最小値: $r_{\min}=0[\lambda]$ (λ :波長)、同最大値: $r_{\max}=5[\lambda]$ 、染色体の個体数 N を120個とする条件下で、アンテナの最適設計を行うものとして説明するが、本発明はかかる条件下に限定されるものではなく、所望のアンテナ特性等に応じてこれらの条件を任意に設定して実行することが可能である。

【0034】次に、図23のステップS2に移る。ここでは、前記ステップS1で準備した120個の染色体それぞれに対して、次に定義する条件に従い、その素子数を決定する。

【0035】まず、素子長 $h_{\#i}$ が 0.1λ 未満のものについてはその素子を削除するとともに、素子の一部が重なった場合は重なった素子を除去する。この除去の後に残った素子とその染色体の素子数となる。この素子除去処理を各染色体について行う。このようにして各染色体毎に素子数を決定するということは、各染色体に対応するアンテナにおいて、 $\phi=0^\circ$ を中心とした1セクタの半分の素子位置が定められたことになる。

【0036】このように染色体毎に乱数により未知数を設定して得られるアンテナ構造においては、無給電素子の素子長や取り得る座標位置に応じて、該無給電素子が導波器としても反射器としても動作する。したがって、上記ステップ2において得られた、染色体に対応するアンテナ構造は、コーナリフレクタアンテナのような反射板付きのアンテナと八木・宇田アレーアンテナのような

$$O(x)=aG(x)-b|50-\text{Re}(Z(x))|-c|\text{Im}(Z(x))|-d|30-\text{HBW}|-eAL \\ +fT(x)-gl(x) \quad \dots\dots (8)$$

$$f(x)=O(x)-(O_{\text{avg}}-\alpha\sigma) \quad \dots\dots (9)$$

ここで(8)式の $G(x)$ は指向性利得を、 $Z(x)$ はインピーダンスを、 HBW は水平面内放射指向性の半値幅を、 AL はアレー長($AL=r_{\max}$)を、 $T(x)$ はビーム割れが発生しないように設けた補助関数を示し、 $l(x)$ は素子の重なりや素子長の短いものを削除した後の素子数を示している。また、 a , b , c , d ,

無給電素子(導波器)を有するアンテナの融合モデルとしてとらえることができる。

【0037】次に、図23のステップS3について説明する。このステップにおいては、前記ステップS2において定められた $\phi=0^\circ$ を中心とした1セクタの半分の素子位置等に基づいて、 $\phi=0^\circ$ を中心とした素子の鏡像を作成することで1セクタ他の半分の素子配置を決定し、この両者により1セクタ全体の素子位置を決定する。なお、鏡像を作成する際に、セクタの境界線上に素子の一部が重なる場合には、その素子の中心をセクタの境界線上に移動させる処理を行う。上記処理を120個の染色体すべてについて行うことにより、1セクタ分の素子配置が120個分作成されることになる。

【0038】次に、前記ステップS3で作成した1セクタの素子配置を元にして、残りのセクタ(11セクタ)の素子配置を極座標の原点を中心として $2 \times \phi_{\max}$ ($=360^\circ/S$) 毎に一次変換、あるいは回転移動させることによって、1つのセクタアンテナ全体の構造を設定することができる。該一次変換あるいは回転移動による処理を120個の染色体それぞれについて行うことによって、120個分のセクタアンテナ構造を作成する。これがステップS4である。ステップS4の処理が完了すると、素子数が可変で設定されたセクタアンテナ解析モデルが120個決定される。

【0039】次に、前記ステップS4で決定された120個のセクタアンテナ解析モデルのそれぞれについて、Improved Circuit Theory (I. C. T法)を用いてアンテナ特性の計算を行う(ステップS5)。I. C. T法の詳細については、例えば、文献「稲垣、関口: “線状アンテナを素子とするアレイの指向性利得を最大にする厳密な設計”、信学論(B), 53-B, No. 11, pp687-692, 1970)や「N. Inagaki: “An improved circuit theory of a multi-element antenna.”, IEEE Trans. on AP, Vol. 17, No. 2, p. 120, March, 1969」に述べられている。

【0040】前記ステップS5により全モデルのアンテナ特性を計算した後で、以下の(8)式及び(9)式で定義される対象関数 $O(x)$ 並びに適応度関数 $f(x)$ を用いて、120個の全染色体のランク付けを行う(ステップS6)。

【0041】

e , f 及び g は、それぞれの項目の重要度を表す係数である。

【0042】また、(9)式の O_{avg} は $O(x)$ の平均値を示し、 σ は $O(x)$ の標準偏差を示している。更に(9)式の α は、 σ に対して重み付けを行う係数であって、 $1 \leq \alpha \leq 3$ の範囲の値を取る。

【0043】(8)式を見ると、利得が高いもの、インピーダンスが50Ωに近いもの、水平面内放射指向性の半値幅が30°となるもの、アレー長が短いものの優先順位を高くすることを目的とした関数であることが分かる。

【0044】今、アレーアンテナ特性の解析を行う場合の目標を、水平面内放射指向性の半値幅が30°を満たし、アレー長を最小とする条件を満足するものを得ることとする。上記(8)式の係数の選び方によっては、別の項目が優先されてしまう場合があるため係数の選択には注意が必要である。ここでは、説明の便宜上(8)式の係数aを200とし、b及びcを2、dを100、eを5、gを1として解析したものとして説明するが、本発明において、係数の選び方はこれに限定されるものではなく、各係数の値は任意に設定することが可能である。

【0045】次に、ステップS7について説明する。前記ステップS6においてランク付けされた120個の染色体の中から、アンテナ特性の優れたものを優先的に保存しつつ、次に示す遺伝的操作を実施する。

【0046】ここで、この遺伝的操作を実施するに当たり、ルーレット保存法とエリート保存法の2種類の方法がある。これらの方法の詳細については、参考文献「D. E. Goldberg, "Genetic algorithms in search, optimization and machine learning", Reading, Mass.: Addison-Wesley, 1989.」に書かれている。以下にその概要を説明する。

【0047】まず、ルーレット保存法について説明する。

【0048】ランク付けされた染色体の中からランクの高いものが選ばれる確率が高くなるように構成されたルーレットを用意する。このルーレットを回すと一つの染色体が選択される。かかるルーレットによる染色体の選択を120回繰り返すことにより、新たに120個の染色体を選び出す操作を行う。該選択操作においては、ランクの高い染色体がより多く選ばれる可能性が高く、またランクの高い染色体は複数回選ばれる可能性もある。一方、ランクの低い染色体は該ルーレットにより選択される可能性が低く、そのため徐々に消滅していくことになる。その結果ランクの高い染色体が優先して選択される。

【0049】こうして選択された複数の染色体の中から、予め設定した交配率で交配(染色体の半分の要素を互いに交換すること)の親を選ぶ。交配率は任意に設定可能であるが、例えば交配率を0.5とした場合、該ルーレットにより選択された120個の染色体から60個の染色体が選出される。この親を選ぶ方法には、120個の染色体からランダムに選んだり、最初に選択された60個の染色体としたり、いろいろとその選択方法が考えられるが、いずれの方法を採用しても良い。

【0050】このようにして交配の親となる60個の染色体を選んだら、次にこれらの親を2個ずつ対にして、各々の染色体を半分に分けて対同士で交配させる。

【0051】更にこうして得られた120個の染色体の中から予め定める確率で突然変異の染色体を作成する。この突然変異は選択された染色体の要素の一部を適当に変更することで実施する。

【0052】以上の遺伝的操作処理によって新たな世代の染色体グループを生成する。

10 【0053】これが、ステップS7における新しい世代の染色体を作る遺伝的操作である。

【0054】上記の通り、ステップS7においては、アンテナ特性の優秀なもののほど選択されて残される確率が高くなるように染色体に優先的ランク付けを行っているため、新たな世代の染色体の中に特性の優れたものが残る確率が高くなる。

【0055】次に、エリート保存法について説明する。

【0056】前述の通り、前記ステップS6の処理により、120個の全染色体のそれぞれにランク付けを行い、このランク付けされた120個の染色体の中から、
20 先ず、ランクの高い順に、予め定めた個数の染色体を選んでこれをそのまま変化させずに保存する染色体として選択する。例えば上位20個の染色体を選択するものとする。遺伝的操作を行うための交配の親となる染色体を120個用意するために選択すべき残りの個数は120-20=100個となる。ここで、前述のルーレット保存法において使用されたルーレットと同様の、ランク付けされた120個の染色体の中からランクの高いものが
30 選ばれる確率が高くなるようなルーレットを用意して、これを100回繰り返して回し、新たに100個の染色体を選び出す操作を行う。

【0057】次に、この100個の中から予め設定した交配率で交配(染色体の半分の要素を互いに交換すること)の親を選ぶ。例えば交配率を0.5とすれば50個の染色体を選ぶことになる。この親を選ぶ場合には、ランダムに選んだり、最初に選択された50個の染色体としたり、いろいろとその選択方法が考えられるが、いずれの方法によって選出しても良い。

【0058】このようにして交配の親となる50個の染色体を選んだら、次にこれらの親となる染色体を2個ずつ対にして、各々の染色体を半分に分けて対同士で交配させる。

【0059】更にこうして得られた100個の染色体の中から予め定める確率で突然変異の染色体を作成する。この突然変異は選択された染色体の要素の一部を適当に変更することで実施する。

【0060】このようにして、最初に優先的に確実に残す染色体として選んだ20個の染色体と、その後選んで遺伝的操作を加えた100個の染色体を合わせて、120個の新たな染色体が新世代の染色体グループとして誕
50

生する。これがエリート保存法を用いた場合の新しい世代の染色体の形成例である。

【0061】この他にも、前述の遺伝的操作の中で、より良い結果が得られるように、更に条件を設定したりする事も考えられるが、本発明の本質ではないため、それらの詳細については前述した参考文献を参照されたい。

【0062】上記操作が図23のステップS7で行われる。

【0063】次に、ステップS8でその染色体グループの収束度を判定して、予め設定した収束度を満足すれば、ステップS9に移って操作を終了する。一方、収束度を満足していなければステップS2に戻って、前述の操作を繰り返す。収束度の判定には、前記 O_{avg} が収束状態にあるかどうかチェックしたり、前記 σ が小さくなる(0に近づく)ことで判断したりすることができる。

【0064】また、収束状態にあるかどうかを判定する基準として、アンテナ特性が所望の値に収束しているかを種々のパラメータに対して判断する判定条件を加えることにより、さらに良い特性のアレーアンテナを設計することが可能となる。

【0065】以下に、ルーレット保存法を用いた場合の本実施例に係るアンテナ最適設計方法の実施結果を示す。なお、この実施例においては上記ルーレット保存法の設定パラメータとして、交配率を0.5とし、突然変異率を0.001とし、また前述の(8)式の係数 a を200、 b 及び c を2、 d を100、 e を5、 g を1とし、本実施例にかかるアンテナ最適設計方法に従って第1世代から第90世代の染色体を形成して解析している。

【0066】図3は世代毎の対象関数 $O(x)$ の平均値を示したグラフであり、世代を重ねる毎に対象関数の平均値が収束していく様子が分かる。

【0067】図4は世代毎の水平面内放射指向性の半値幅の値を示しており、所望の設計値である 30° に収束

$$O(x) = aG(x) - b |50 - \text{Re}(Z(x))| - c | \text{Im}(Z(x)) | - d | 30 - \text{HBW} | - eAL + kSL + hBL \dots (10)$$

なお、ステップS6において使用する適応度関数 $f(x)$ については第一の実施例と同様の前記(9)式を用いる。

【0075】本発明の第二の実施例にかかるアンテナ最適設計方法を実行して、最適化されたアンテナ構造を得た。該最適化されたアンテナ構造における無給電素子の配置例を図8に、その水平面内放射指向性を図9に示す。図9からわかるように(10)式で追加したサイドローブとバックローブの低減項により、サイドローブとバックローブが低減されていることがわかる。

【0076】ここで、本実施例では、サイドローブは $5^\circ < \phi < 150^\circ$ の範囲で -10 dB 以下となることを目標とした。かかる目標を達成するために、サイドロ

していることが分かる。

【0068】図5は入力インピーダンスの世代毎の平均値がどのように収束するかを示しており、リアクタンス成分 X は所望の値 $0[\Omega]$ に近いところで収束しているが、レジスタンス成分 R は $100[\Omega]$ 近辺と所望の $50[\Omega]$ からはやや離れたところで収束している。これは、(8)式において係数 b の値が他よりも低いためにこのレジスタンス成分の項目の重要度が下がり、本要素が軽視されたためと考えられる。

【0069】また、図23に示す本発明のアルゴリズムにより得られた無給電素子の配置と各素子の素子長の関係を図6に示す。この図6で示されたアンテナ構造は、従来の八木・宇田アンテナ、コーナリフレクタアンテナをセクタ配置してパラメータスタディを行う手法では導くことのできない形状である。このアンテナ構造の水平面内放射指向性を図7に示す。図7からわかるように、メインビームの方向にずれもなく、また、水平面内放射指向性の半値幅 30° を実現する結果が得られている。

【0070】このように、本発明の方法を用いることで、Genetic Algorithmsの適用により、従来の方法では困難であったアンテナ構造までを含むセクタアンテナの小型化に対するアンテナ設計が容易となる。

【0071】[第二の実施例]次に、本発明の第二の実施例について説明する。

【0072】かかる第二の実施例は、Step6において使用する対象関数が異なる点を除き、前記第一の実施例と同じである。

【0073】第二の実施例における対象関数は前記

(8)式に、サイドローブを低減する項 $+kSL$ (k は係数、 SL はサイドローブレベル)とバックローブを低減する項 $+hBL$ (h は係数、 BL はバックローブ)を追加し、ビーム割れが発生しないように設けた関数 $fT(x)$ と素子数に制約を与える項 $-gL(x)$ を削除して得られる以下の(10)式である。

【0074】

ーブレベルが -10 dB 以下を満たすとき評価値を高くし(この実施例では $kSL = 1000$ 、0に設定し

た)、 -10 dB 以下を満たさないときには評価値を下げる(この実施例では $kSL = -100$ 、0に設定した)ように規定した。また、バックローブは $150^\circ < \phi < 180^\circ$ の範囲でそのレベルが -15 dB 以下となることを目標とし、バックローブレベルが -15 dB 以下を満たす場合に評価値を高くし、それ以外の場合には評価値を低くするように規定した。このように、本発明においては対象関数 $O(x)$ の中に離散関数が含まれていても良い。かかる手法は、連続的な関数では表現できない問題を解く場合において他の手法に比べて有利である。

【0077】なお、本実施例では、対象関数 $O(x)$ に素

子数に関する項 $1(x)$ を設けなかったために、各セクタ毎の素子数は22とやや多くなっている。

【0078】〔第三の実施例〕本発明の第一および第二の実施例においては各素子の位置を円筒座標系を用いて規定したが、円筒座標系の代わりに直交座標系を用いて各素子の位置を規定する場合にも本発明は実施可能である。かかる直交座標系を用いた場合を第三の実施例として、以下に説明する。

【0079】直交座標を用いた本実施例においては、図23に示した本発明のフローに対し、ステップS1における染色体の定義が以下に述べるように異なり、かつ、セクタ化の概念を除去した点（ステップS3、S4の処理が変わる）でそのアンテナの素子配置を設定する処理が変わるが、アルゴリズムとしては、前述の第1、及び第2の実施例と同様である。

【0080】まず、本実施例において用いられる染色体の構成について説明する。図10は直交座標を用いた場合のアンテナ構成例である。該アンテナには、原点（座標 $(0,0)$ ）に固定された素子長 $H_{\#1}$ を有する給電素子 $\#1$ と、それぞれの座標 (x,y) および素子長 H を未知数とする無給電反射器 $\#2$ から $\#m$ と、それぞれの座標 (x,y) および素子長 H を未知数とする無給電導波器 $\#m+1$ から $\#n$ とが設けられる。ここで m は2以上の自然数、 n は3以上の自然数である。なお、図10に示すアンテナ構成例においては、無給電反射器は $\#2$ のみ（ $m=2$ ）、無給電導波器は $\#3$ から $\#6$ （ $n=6$ ）である。

【0081】図10において記号「○」は給電素子 $\#1$ の位置を示しており、原点に配置する。 $\#2 \sim \#m$ は給電素子の背面、あるいは側面などに配置される無給電素子で構成される反射器である。反射器は素子間隔が 0.1λ 以下のとき反射板と同一視できる（Kraus J.D: Antennas Second Edition, p. 556, McGRAW-HILL, 1988.）。記号●は無給電素子で構成される導波器 $\#m+1 \sim \#n$ である。

【0082】上記のような給電素子 $\#1$ 、無給電反射器 $\#2$ から $\#m$ 、および無給電導波器 $\#m+1$ から $\#n$ より構成されるアンテナに対応する染色体を、図11に示す。該染色体は、給電素子部と、反射器部と、導波器部とから構成される。給電素子部はその給電素子の素子長 $H_{\#1}$ を格納している。反射器部は、無給電反射器 $\#2$ から $\#m$ のそれぞれの x 座標値、 y 座標値、素子長 (RX_i, RY_i, H_i) を格納している（ i は $\#2$ から $\#m$ ）。また、導波器部は無給電導波器 $\#m+1$ から $\#n$ のそれぞれの x 座標値、 y 座標値、素子長 (DX_i, DY_i, H_i) を格納している（ i は $\#m+1$ から $\#n$ ）。なお、上記例においては反射器と導波器部をそれぞれ独立に設けているが、反射器と導波器それぞれの最大値、最小値、ビット数などに与えられる条件を分ける

必要がない場合はこのように分離せず一種類の無給電素子部として統合しても良い。

【0083】上記染色体において、各素子の特性は (RX_i, RY_i, H_i) あるいは (DX_i, DY_i, H_i) によって決定する。各未知数 $RX_i, RY_i, DX_i, DY_i, H_i$ の範囲をそれぞれ以下のように定め、励振条件を決定する。

【0084】

RX_i : 最小値 $RX_{\min} = 0$; 最大値 $RX_{\max} = -0.25$,

10 RY_i : 最小値 $RY_{\min} = 0$; 最大値 $RY_{\max} = 1.0$,

DX_i : 最小値 $DX_{\min} = 0$; 最大値 $DX_{\max} = 5.0$,

DY_i : 最小値 $DY_{\min} = 0$; 最大値 $DY_{\max} = 1.0$,

H_i : 最小値 $H_{\min} = 0$; 最大値 $H_{\max} = 0.35$,

以上のように、アンテナの構造を直交座標で表し、その励振条件を決定して、未知数列である染色体それぞれの各要素値 (RX_i, RY_i, H_i) および (DX_i, DY_i, H_i) を乱数を用いて決定し、染色体を作成する。このようにして作成される染色体を予め定めた個体数だけ用意する（ステップS1）。

20 【0085】つぎに、各染色体における素子数の決定を行う（ステップS2）。それぞれの染色体において、異なる素子に含まれる要素値が同一である場合、すなわち素子の構造の一部が重なっている場合、あるいは素子長 H_i があらかじめ定められた値よりも小さい場合、その染色体からその素子を除去する。

【0086】このようにして得られた素子群を、水平面内放射指向性が正面方向に対して対象となるよう、 X 軸に対して鏡像を作成する。この際 X 軸上にある素子は削除される。この処理を前記予め定められた個体数の染色体それぞれについておこない、素子数が可変で設定されたアンテナ解析モデルが予め定められた個数だけ決定される（ステップS3'）。

30 【0087】つぎに、前記アンテナ解析モデルの全てについて、Improved Circuit Theory(I. C. T法)を用いてアンテナ特性の計算を行い（ステップS5）、該アンテナ特性の計算に基づいて、対象関数 $O(x)$ 並びに適応度関数 $f(x)$ を用いて、全染色体のランク付けを行い、（ステップS6）、該ランク付けされた染色体の中から、アンテナ特性の優れたものを優先的に保存しつつ、遺伝的操作を実施して新しい世代の染色体を作り

（ステップS7）、最後に該新しい世代の染色体の収束度を判定して、予め設定した収束度を満足すれば、処理を終了し、該収束度を満足していなければ前述の処理（ステップS2からステップS7）を繰り返す。

【0088】次にこの直交座標による染色体を用いたときの具体的実施結果を示す。

【0089】この実施においては対象関数 $O(x)$ として以下の(11)式を用いた。

【0090】

$$O(x) = aG(x) - b | 50 - \text{Re}(Z(x)) | - c | \text{Im}(Z(x)) | - d | 30 - \text{HBW} | - eAL + fT(x)$$

上記 (11) を用いた第三の実施例を実施した結果として得られた無給電素子の配置を図 12 に示す。これは、「与えられた空間内に、無給電素子をばらまいて得られる構造のうち、水平面内放射指向性のビーム幅が 30° 、インピーダンスが $50 [\Omega]$ に近い値がとれるものでアレー長を小さくできる配置は何か」という問題を、直交座標 ICT による計算と GA で解いた結果である。該得られた無給電素子の配置を有するアンテナ構造に対する水平面内放射指向性を図 13 に示す。この図からわかるように、該アンテナ構造においてはビーム幅 30° を満たしている。

【0091】以上示したように、本発明の第三の実施例のような直交座標 GA-ICT も所望特性を得るための素子の配置を考えるための有効な手段となる。ただし、セクタ化したとき小型となる配置を考える際には、直交座標の場合、Y 座標の範囲の設定が困難になるため、本発明の第 1 の実施例である、円筒座標を用いる方が望ましい。また、図 13 は、サイドローブ、バックローブが -10 dB ほど発生していることを示しているが、これ

$$O(X) = aG(x) - b | 50 - \text{Re}(Z(x)) | - c | \text{Im}(Z(x)) | \dots (12)$$

この実施例におけるアンテナの最適化は、「大きさの決められた空間内に、素子数の最大値だけを決めて無給電素子をばらまいたときに、どのような素子長、素子配置にすれば高い利得が得られるアンテナとして動作するか」という問題を解くことに他ならない。本実施例の最適化法を用いて計算した結果を図 15、図 16 に示す。図 15 は、該最適化方法を実施した結果得られたアンテナ構造における無給電素子の配置例である。該無給電素子の配置を有するアンテナの水平面内放射指向性は、図 16 に示すとおりである。図 16 よりわかるように、最適化されたアンテナにおいては半値幅 22° 、利得 12 dB が得られた。アレー長 5λ にしては利得がやや低いのは、給電素子より後ろには何も素子をおかない構造になっているためである。

【0096】本発明の第一及び第二の実施例の特徴は、図 22 で示した従来の設計法を示すと比較した場合、

(1) 座標系を用いて染色体を一般化し、従来の素子間隔を素子長といった特定の構造に限らない点、(2) 円筒座標を採用している点、(3) セクタ間相互結合を考慮し、鏡像と一次変換を駆使して計算量を減らしている点、(4) 対象関数にセクタアンテナ小型化を目的とした、一定値に近いビーム幅とアンテナサイズが小さいものを優先する項を採用している点にある。

【0097】本発明の第三及び第四の実施例の特徴は、図 22 で示した従来の設計法を示すと比較した場合、

(1) 座標系を用いて染色体を一般化し、従来の素子間隔を素子長といった特定の構造に限らない点、(2) 鏡像を駆使して計算量を減らしている点、を採用している点にある。

は対象関数 $O(x)$ にこれらを低減するための規定 (前記第二の実施例における kSL , hBL) を入れていないからである。

【0092】[第四の実施例] 次に本発明の第四の実施例を示す。本実施例は、反射器と導波器を分離せず単に無給電素子として統合している点を除いて前記第三の実施例と同一である。

【0093】本実施例の染色体の構成を図 14 に示す。該染色体は給電素子部と、無給電素子部で構成されている。給電素子部はその給電素子の素子長 $H_{\#1}$ を格納しており、無給電素子部は無給電素子 $\#2$ から $\#n$ のそれぞれの x 座標値、 y 座標値、素子長 (DX_i , DY_i , H_i) を格納している (i は $\#2$ から $\#n$)。

【0094】該第四の実施例にかかるアンテナ最適化設計方法を実行した結果を以下に示す。ここで、 DX_i , DY_i , H_i に与えられる条件は前述の第 3 の実施例と同様とし、対象関数 $O(x)$ として (11) 式の代わりに以下の (12) 式を用いた。

【0095】

【0098】尚、本発明で給電素子を複数にしても、あるいは、全ての素子が無給電素子から給電素子に変更しても、必要に応じて、染色体に位相と振幅の未知数の項を素子数分追加することで、本明細書に示したのと同様の効果が得られるのはいうまでもない。

【0099】

【発明の効果】以上説明したように、本発明によれば、セクタアンテナ、特に、無給電素子のアレーを用いる八木・宇田アンテナや、反射板を無給電素子の列で近似できるコーナリフレクタタイプのアンテナの素子の配置を、所望特性を満たすように、自由度の高いところで最適化することが可能となる。特に、本発明によれば染色体の構造は固定長のまま素子数を未知数にすることが可能である。本発明を用いて、任意のセクタアンテナの小型化問題、等ビーム多周波共用問題の最適化を行うことが可能であり、無線 LAN 用のアンテナの小型化最適化、移動通信基地局用等ビーム多周波共用アンテナの小型化最適化に有効な手段である。

【0100】また本発明によれば、セクタ間に生じる相互結合の影響を含めた解析を容易に実現できる。

【図面の簡単な説明】

【図 1】円筒座標を用いたアンテナ素子は位置の構成図である。

【図 2】円筒座標を用いた場合の染色体の構成例を示す図である。

【図 3】対象関数の世代毎の収束の様子を示す図である。

【図 4】ビーム幅の世代毎の収束の様子を示す図である。

【図 5】入力インピーダンスの世代毎の収束の様子を示す図である。

す図である。

【図 6】本発明の実施の結果得られたアンテナ構造における無給電素子の配置を示す図である。

【図 7】本発明の実施の結果得られたアンテナ構造における水平面内放射指向性を示す図である。

【図 8】最適化されたアンテナ構造における無給電素子の配置を示す図である。

【図 9】最適化されたアンテナ構造における水平面内放射指向性を示す図である。

【図 10】直交座標を用いたアンテナ構成例を示す図である。

【図 11】直交座標のときの染色体の構成例を示す図である。

【図 12】第三の実施例を実施した結果として得られた無給電素子の配置を示す図である。

【図 13】第三の実施例を実施した結果として得られたアンテナ構造の水平面内放射指向性を示す図である。

【図 14】第四の実施例における直交座標のときの染色体の構成例を示す図である。

【図 15】第四の実施例における最適化方法を実施した結果得られたアンテナ構造における無給電素子の配置を示す図である。

【図 16】第四の実施例における最適化方法を実施した

結果得られたアンテナ構造における水平面内放射指向性

【図 17】従来の 4 素子八木・宇田アンテナの構造を示す図である。

【図 18】従来の 4 素子八木・宇田アンテナの染色体の構成を示す図である。

【図 19】従来の Crooked-Wire genetic antenna を示す図である。

【図 20】従来のマルチセクタモノポール八木・宇田アンテナの構造を示す図である。

【図 21】従来の移動通信基地局のための等ビーム 2 周波共用アンテナを示す図である。

【図 22】従来の従来の GA を用いた八木・宇田アンテナの設計方法を示すフローチャートである。

【図 23】本発明の第 1 の実施例に係るアンテナ最適設計方法を示すフローチャートである。

【符号の説明】

h_i : 素子長

(x_i, y, z_i) : 素子の直交座標、

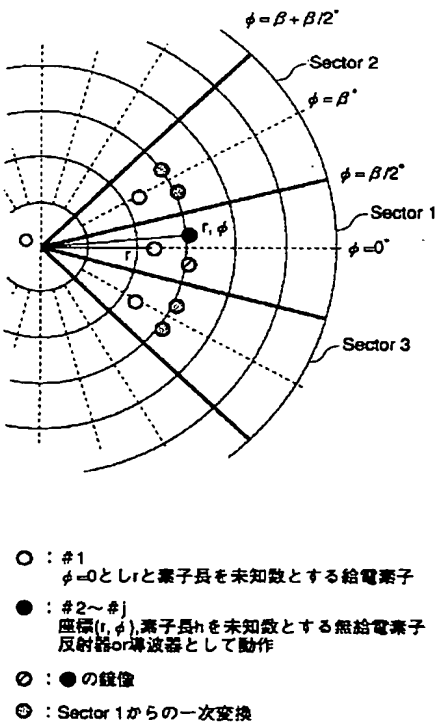
(r_i, θ_i) : 素子の円筒座標

ϕ_i : 位相

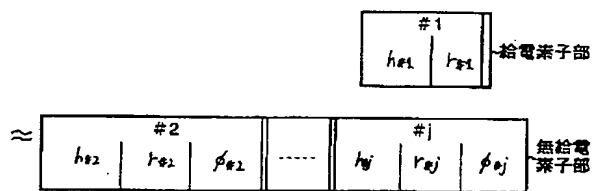
$O(x)$: 対象関数

S : セクタ数

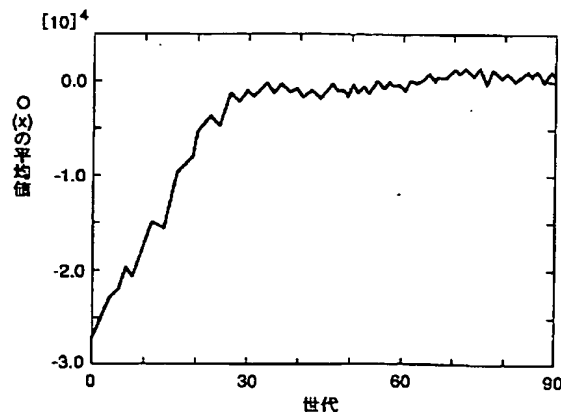
【図 1】



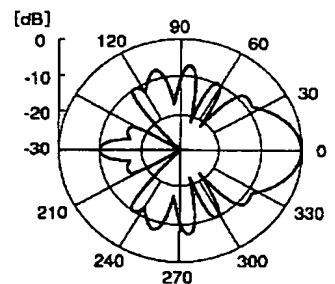
【図 2】



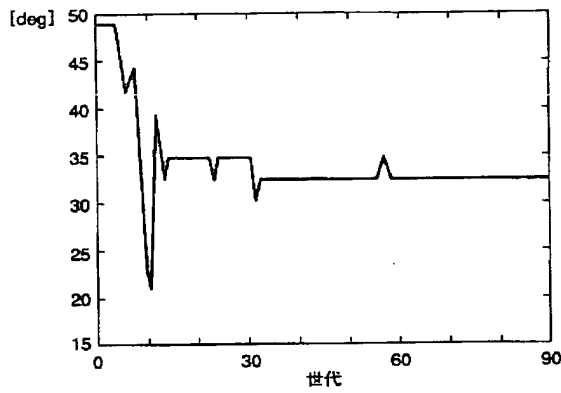
【図 3】



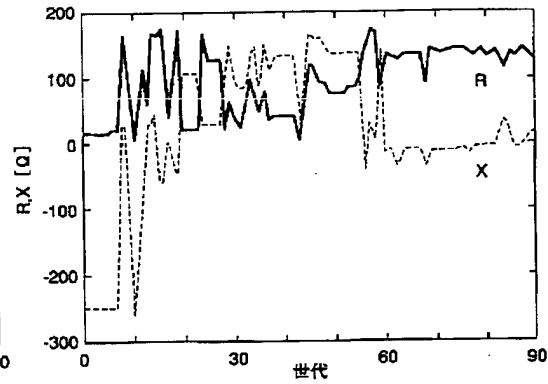
【図 7】



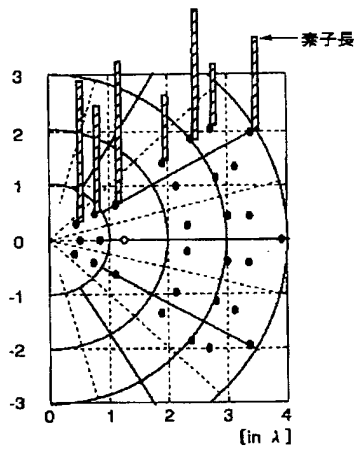
【図 4】



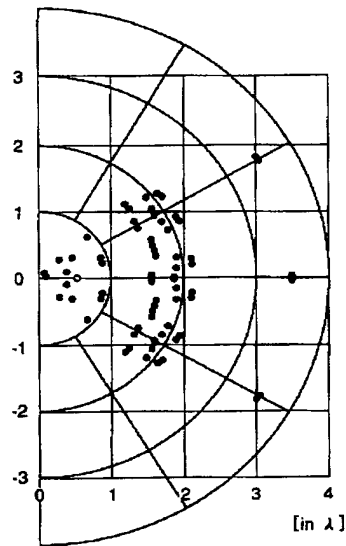
【図 5】



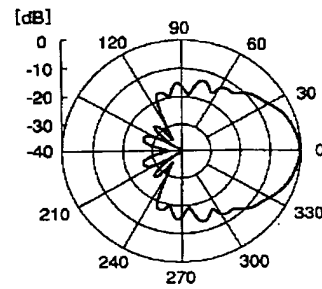
【図 6】



【図 8】

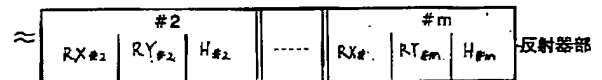
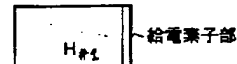
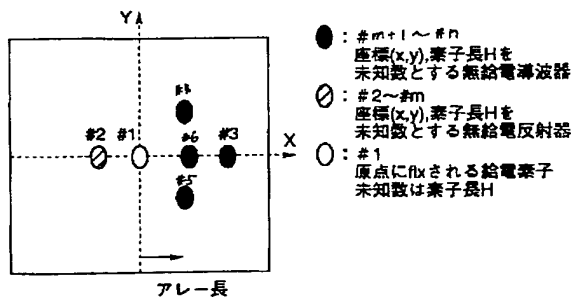


【図 9】

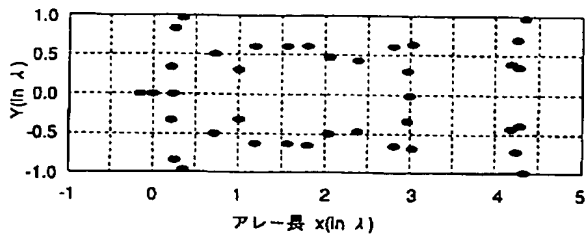


【図 11】

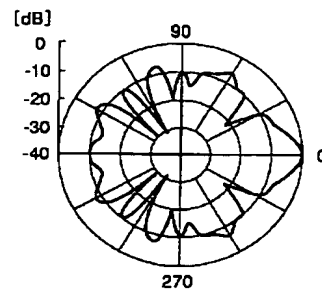
【図 10】



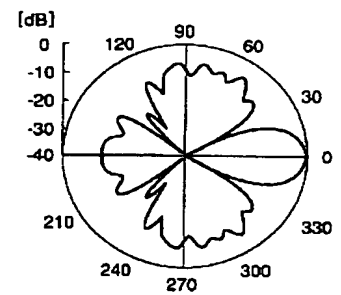
【図12】



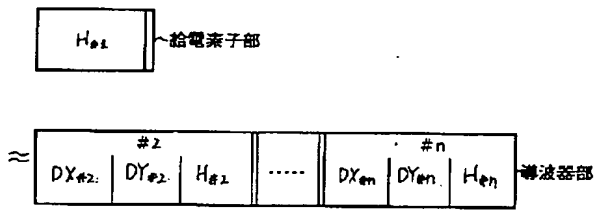
【図13】



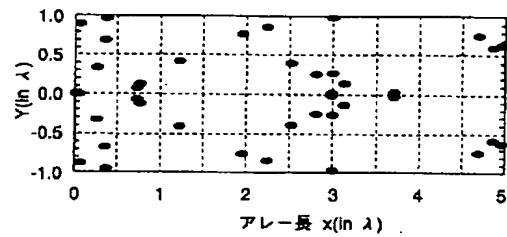
【図16】



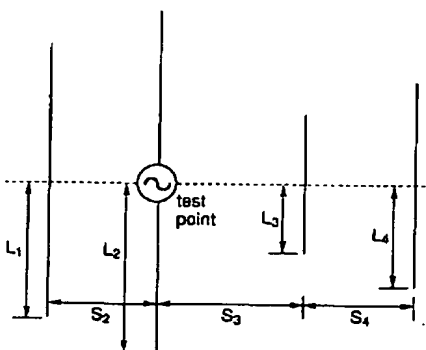
【図14】



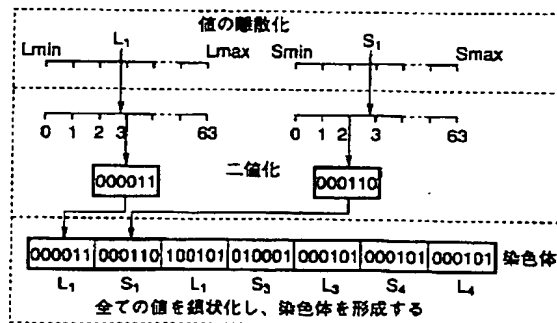
【図15】



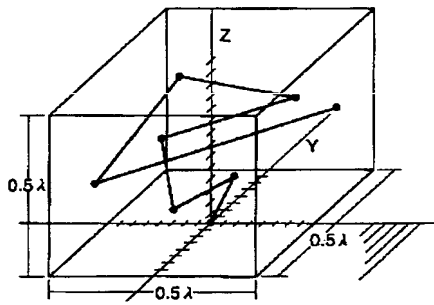
【図17】



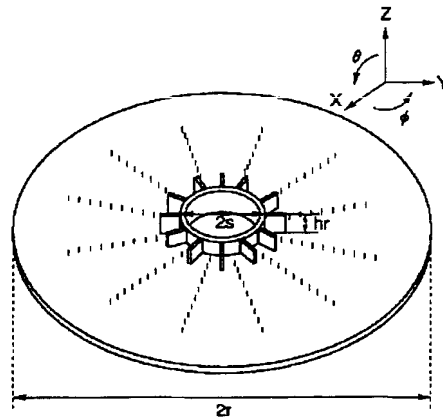
【図18】



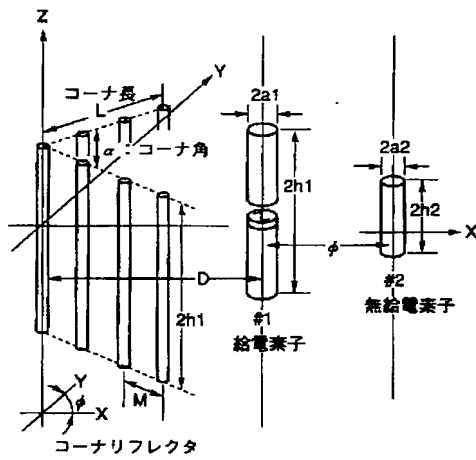
【図 19】



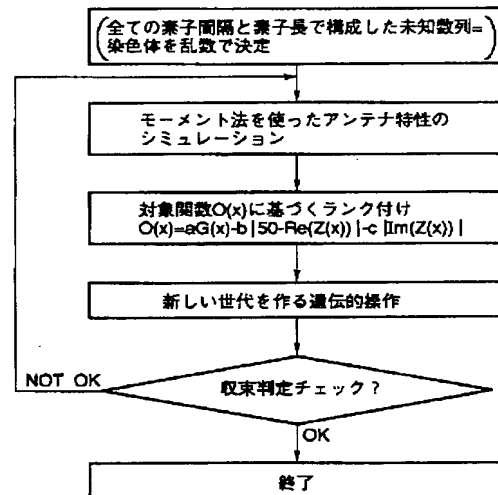
【図 20】



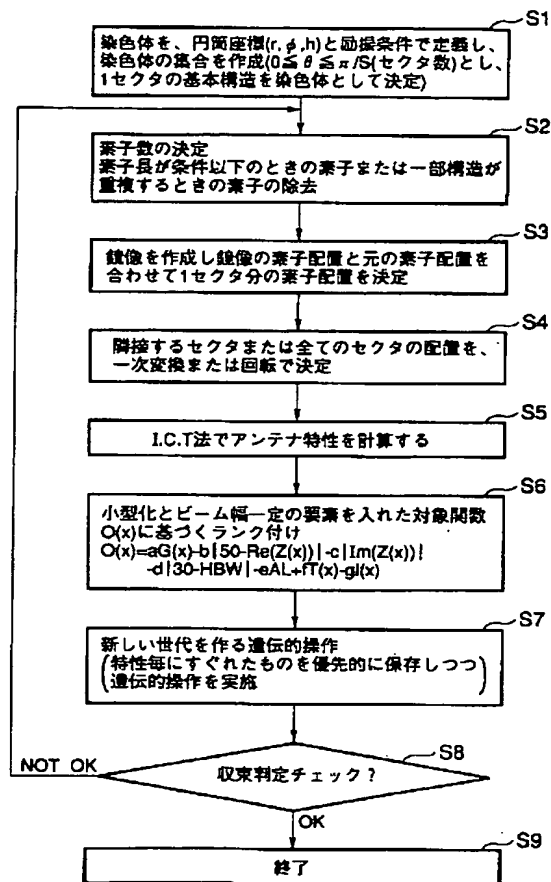
【図 21】



【図 22】



【図 23】



フロントページの続き

(72)発明者 安藤 篤也

東京都千代田区大手町二丁目3番1号 日

本電信電話株式会社内

(72)発明者 堀 俊和

東京都千代田区大手町二丁目3番1号 日

本電信電話株式会社内

Fターム(参考) 5J020 AA03 BA02 BA06 BA17 BC04

BC08 DA03

5J021 AA05 AA06 CA06 FA20 FA29

FA30 GA02 GA03 GA08 HA05

HA10 JA10

THIS PAGE BLANK (USPTO)